

```

<- vpx cds                                tat cds ->
CONSENSUS_A  MtEAPTEfPPedgtPprepgdeWvIeiLreikEEALKHFDPRLlialGnyIytrHGDTLEgAreLIrVLRALF?HFRAGCG?SRigqtrgrnplsaiptprgmq 103
A_ROD        -A---L--V---L-----I-----K-----K-----T-----H-----G-----N--- 105
A_NIHZ      -L---R---R-----A-----E---R-----T---R-----I---A-----H-----G-----H 105
A_ISY       -A-----R-----T-----Y-----T-----H-----P-----N--- 105
A_ST        -S---R-----T-----T-----A-----G---I---LL---R---P-----R 104
A_BEN       -----R-DL-SD---T-----R-----Y-HN-----KT---V---NR----- 87
A_CAM2      -L-----D-----D-----T---GH-A-----R-----T---NH-----G-----R- 104
A_D194      -----R-L-ST---T-K-----C-----N-----V-I---DR-K---R-A-CP-A-----H 105
A_GH1       -----R-L-GD---R-G-----HS-----P-----I---R-V-L---NR---S---R-T-FP-A-----Y 105
A_KR        -A-----E---G-----G---LR-----TT---CA-----S---N-----V---KI-----ET-F-----S-- 105
A_MDS       -L-----R-----T-----RS-T---RH-----I-----T-----H-----G-----F-----S-- 105
A_ALI       -----AGMG-HQGAR---V-----R---M---G-----R---NA-----M-----R-V-----N-- 105

CONSENSUS_B  MAEAaPeiPPEnenPQREPWEeWv?dvLEEIKQEALKHFDPRLlTALGNFIYsRHGdTLAgAGELIKiLQRALFLHFRaGCQHSRIGQpGGGNPLSaIPPs... 100
B_UC1       -----T---S-----E-M-----R----- 101
B_D205      -----IGEI----- 101
B_EHOA      ---V---DK-----Q--V-----N---N--E-----L-----G----- 101

CONSENSUS_SD M....eERPPeDEgPQREPWdEWVVEVLeElKEeALkhFDPRLlTALGNhIYnRHGDTLEGAGELIrILQrALFiHFRgGCrHSRIGQsgGnPLstippsrgvL 101
SD_MM251    -...-N-----M-----N-----P----- 97
SD_MM32H    -...-N-----M-----N-----P----- 101
SD_MM1A11   -...-N---G-----G-----M-----I-----P---R---A---SM- 100
SD_MM316S   -...-N-----M-----I-----P---X----- 92
SD_MM239    -...-N-----M-----I-----P---A---SM- 101
SD_MM142    -...-N-----K-----M-----S---S---P-----SM- 101
SD_MNE      -...-N-----K-----M-----T-----P-----RM- 101
SD_SMPBJ14.441 -...T---A-----I---N-----Y--D----- 101
SD_SMPBJ14.15 -...T---A-----I---N-----Y--D----- 101
SD_SMPBJ6.6 -...T---A-----I---N-----Y--D----- 101
SD_SMMH9    -...T---A-----E---NP---Q---Y--D-----G-----X-----X--- 100
SD_SMMH4    -...A---A-----Y--D-----S---A-----R----- 101
SD_SM62A    -...A---A-----Y--D---P-----S---A-----R-----M----- 101

STM_STM     M....THRPPeDEGPQREPWdEWVVEVLEEIKQEALRHFDPRLLSALGNyIYDRHGDTLEgAGELIKiLQRALFMHFRGGCRHSRIGQpGGGNPLATIPPTRGVL 101

```